

**Figure 1 : Alignment of the BASB053 polynucleotide sequences.**  
**Identity to SeqID No.1 is indicated by a dot and Gap is indicated by a dash.**

```

                *           20           *
Seqid1 : ATGGGACAGTTTATGTCAGTTTCCGCATC : 30
Seqid3 : ----- : -

                40           *           60
Seqid1 : AATATGACCGCCGCCACGGTTTTGGCAGCA : 60
Seqid3 : -----...T----- : 8

                *           80           *
Seqid1 : CTTTCGTCTTCGGTTTTTGCCGCACAAACG : 90
Seqid3 : ----- : -

                100           *           120
Seqid1 : GCGGATTTGGAAACCGTCCACATCAAAGGG : 120
Seqid3 : ----- : 29

                *           140           *
Seqid1 : CAGCGTTCGTACAACGCGATTGTCACCGAG : 150
Seqid3 : ..... : 59

                160           *           180
Seqid1 : AAAAACGGCGATTACAGCTCGTTTGCCGTC : 180
Seqid3 : ..... : 89

                *           200           *
Seqid1 : ACCGTCGGCACAAAAATCCCCGCTTCTTTG : 210
Seqid3 : ..... : 119

```

09889267.01102

220 \* 240  
 Seqid1 : CGCGAAATTCCGCAATCCGTCAGTATCATC : 240  
 Seqid3 : ..... : 149

\* 260 \*  
 Seqid1 : ACCAACCAGCAGGTCAAAGACCGCAATGTT : 270  
 Seqid3 : ..... : 179

280 \* 300  
 Seqid1 : GATACGTTTGACCAGTTGGCGCGCAAAACG : 300  
 Seqid3 : ..... : 209

\* 320 \*  
 Seqid1 : CCCGGCCTGCGCGTGTTGAGCAACGATGAC : 330  
 Seqid3 : ..... : 239

340 \* 360  
 Seqid1 : GGACGCTCTTCGGTTTACGCGCGCGGTTAC : 360  
 Seqid3 : ..... : 269

\* 380 \*  
 Seqid1 : GAATACAGCGAATAACAACATCGACGGCCTG : 390  
 Seqid3 : ..... : 299

400 \* 420  
 Seqid1 : CCCGCGCAGATGCAGAGTATCAACGGCAG : 420  
 Seqid3 : ..... : 329

3/15

```

*               440               *
Seqid1  : CTGCCCAATCTGTTGCCTTCGACCGCGTG : 450
Seqid3  : ..... : 359

```

```

              460              *              480
Seqid1  : GAAGTGATGCGCGGGCCGAGCGGACTGTTC : 480
Seqid3  : ..... : 389

```

```

                                *           500           *
Seqid1  :  GACAGCAGCGGCGAGATGGGCGGTATCGTG  :  510
Seqid3  :  .....                               :  419

```

```

                    520                      *                      540
Seqid1  :  AATCTGGTGCACAAACGCCCGACCAAAGCG  :  540
Seqid3  :  ..... :  449

```

```

*               560               *
Seqid1  :  TTCCAAGGTCATGCTGCGGCAGGGTTCGGT  :  570
Seqid3  :  ..... :  479

```

```

              580              *              600
Seqid1  :  ACGCACAAACAATATAAAGCCGAGGCGGAC  :  600
Seqid3  :  .....                               :  509

```

```

                                *           620           *
Seqid1  :  GTATCGGGCAGCCTCAATTGAGACGGCAGC  :  630
Seqid3  :  .....                               :  539

```

```

          640          *          660
Seqid1  :  GTGCGCGGCCGCGTGATGGCGCAGACCGTC  :  660
Seqid3  :  ..... :  569

```

**SECRET**

Seqid1 : GGCGCGTCTCCGCGTCCCGCCGAGAAAAAC : 690  
Seqid3 : ..... : 599

Seqid1 : AACCGGCACGAAACCTTCTACGCGGCGGCG : 720  
Seqid3 : ..... : 629

Seqid1 : GATTGGGACATCAACCCCGATACGGTTTTG : 750  
Seqid3 : ..... : 659

Seqid1 : GGCGCGGGCTATCTTTACCAGCAACGCCAC : 780  
Seqid3 : ..... : 689

Seqid1 : CTCGCGCCGTACAACGGCTTGCCAGCCGAT : 810  
Seqid3 : ..... : 719

Seqid1 : GCCAATAACAAATTACCGTCCCTGCCGCAA : 840  
Seqid3 : ..... : 749

Seqid1 : CACGTATTTGTCTGGCGCGGATTGGAACAAA : 870  
Seqid3 : ..... : 779

09889267-0415

5/15

	880	*	900	
Seqid1	:	TTTAAAATGAACAGCCACGACGTGTTTGCC	:	900
Seqid3	:	.....	:	809
		*	920	*
Seqid1	:	GATTTGAAACATTACTTCGGCAACGGCGGC	:	930
Seqid3	:	.....	:	839
	940	*	960	
Seqid1	:	TACGGCAAAGTCGGTATGCGCTATTCCGAC	:	960
Seqid3	:	.....	:	869
		*	980	*
Seqid1	:	CGCGATGCCGACTCCAACCTATGCCTTTGCC	:	990
Seqid3	:	.....	:	899
	1000	*	1020	
Seqid1	:	GGCAGCAAGCTGGGCATGAAAACCCCGGCA	:	1020
Seqid3	:	.....	:	929
		*	1040	*
Seqid1	:	GGCCGCCCCGGGCTGCAATACGGCTGACGAC	:	1050
Seqid3	:	.....	:	959
	1060	*	1080	
Seqid1	:	AAAGCCTGCGCGGTGGGTTTGGGTACAGAA	:	1080
Seqid3	:	.....	:	989
		*	1100	*
Seqid1	:	ATCAAACAAAAAGCCCTCGCGTTTGACGCC	:	1110
Seqid3	:	.....	:	1019

09889267.04.17.02

1120 \* 1140  
Seqid1 : AGCTACAGCAGGCCTTTCCGCTTGGGCAAT : 1140  
Seqid3 : ..... : 1049

\* 1160 \*  
Seqid1 : ACGGCCAACGAATTTGTCATCGGCGCCGAT : 1170  
Seqid3 : ..... : 1079

1180 \* 1200  
Seqid1 : TACAACCGCTTCCGCAGCACCAACGAACAA : 1200  
Seqid3 : ..... : 1109

\* 1220 \*  
Seqid1 : GGCCGTACTACTTTATATGCACGCGGCGGC : 1230  
Seqid3 : ..... : 1139

1240 \* 1260  
Seqid1 : CTGGCTTTAAACGAGTTCCGCAGCATACCG : 1260  
Seqid3 : ..... : 1169

\* 1280 \*  
Seqid1 : CAGGTTGATTTGATTGCCAACGCGCGCAA : 1290  
Seqid3 : ..... : 1199

1300 \* 1320  
Seqid1 : GGCGTGCGCGGTTACAGCCATACCGTCGCT : 1320  
Seqid3 : ..... : 1229

7/15

\* 1340 \*

Seqid1 : ACCGAAAACCTCGACGAATTCGGCATTAC : 1350

Seqid3 : ..... : 1259

1360 \* 1380

Seqid1 : GGCAAATCCACCTTCCATCCTGCCGACGGG : 1380

Seqid3 : ..... : 1289

\* 1400 \*

Seqid1 : CTGTCGCTTATCGGCGGCGGACGTTTGGGA : 1410

Seqid3 : ..... : 1319

1420 \* 1440

Seqid1 : CACTATAAAATCGAGTCGGGCGAAGGCAAA : 1440

Seqid3 : ..... : 1349

\* 1460 \*

Seqid1 : ACCCTGCACAAAGCCAGCAAAACCAAGTTC : 1470

Seqid3 : ..... : 1379

1480 \* 1500

Seqid1 : ACCGGCTACGCAGGCGCGGTTTACGACTTG : 1500

Seqid3 : ..... : 1409

\* 1520 \*

Seqid1 : AACGACAACAACAGCCTCTACCTGAGCCTG : 1530

Seqid3 : ..... : 1439

1540 \* 1560

Seqid1 : TCCCAGCTCTACACACCGCAAACCAACCTC : 1560

Seqid3 : ..... : 1469

09889267-011702

```

*           1760           *
Seqid1  :  CGCGTGATGGAAGGCGTTGAGACCGAAATC  :  1770
Seqid3  :  .....                               :  1679

```



9/15

1780 \* 1800  
Seqid1 : AGCGGCGCGGTTACACCGAAATGGCAAATC : 1800  
Seqid3 : ..... : 1709

\* 1820 \*  
Seqid1 : CATGCAGGTTACAGCTATCTGCACAGCCAA : 1830  
Seqid3 : ..... : 1739

1840 \* 1860  
Seqid1 : ATCAAAACCGCCTCCAATTCACGCGACGAC : 1860  
Seqid3 : ..... : 1769

\* 1880 \*  
Seqid1 : GGCATCTTCCTGCTGATGCCCAAACACAGC : 1890  
Seqid3 : ..... : 1799

1900 \* 1920  
Seqid1 : GCAAACCTGTGGACGACTTACCAAGTTACG : 1920  
Seqid3 : ..... : 1829

\* 1940 \*  
Seqid1 : CCCGAGCTGACCATCGGCGGCGGAGTGAAC : 1950  
Seqid3 : ..... : 1859

1960 \* 1980  
Seqid1 : GCGATGAGCGGCATTACTTCATCTGCAGGG : 1980  
Seqid3 : ..... : 1889

\* 2000 \*  
Seqid1 : ATGCATGCAGGCGGTTATGCCACGTTTCGAT : 2010  
Seqid3 : ..... : 1919

09889267-01102

10/15

2020 \* 2040  
Seqid1 : GCGATGGCGGCATACCGCTTCACGCCCAAG : 2040  
Seqid3 : ..... : 1949

\* 2060 \*  
Seqid1 : CTGAAGCTGCAAATCAACGCCGACAACATC : 2070  
Seqid3 : ..... : 1979

2080 \* 2100  
Seqid1 : TTCAACCGCCATTACTACGCCCGCGTCGGC : 2100  
Seqid3 : ..... : 2009

\* 2120 \*  
Seqid1 : GGCGCGAACACCTTTAACATTCCCGGTTCG : 2130  
Seqid3 : ..... : 2039

2140 \* 2160  
Seqid1 : GAGCGCACCTGGACGGCAAACCTGCGTTAC : 2160  
Seqid3 : .....G.CT..... : 2069

Seqid1 : AGTTTTTTAA : 2169  
Seqid3 : ..... : 2078

09889267-014702

**Figure 2 : Alignment of the BASB053 polypeptide sequences.****Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot and Gap is indicated by a dash.**

```

                *           20           *
Seqid2 : MGQFMSVFRINMTAATVLAALSSSVFAAQT : 30
Seqid4 : .----- : 1

                40           *           60
Seqid2 : ADLETVHIKGQRSYNAIVTEKNGDYSSFAV : 60
Seqid4 : --.GNR..... : 29

                *           80           *
Seqid2 : TVGTKIPASLREIPQSVSIITNQVKDRNV : 90
Seqid4 : ..... : 59

                100           *           120
Seqid2 : DTFDQLARKTPGLRVLSNDDGRSSVYARGY : 120
Seqid4 : ..... : 89

                *           140           *
Seqid2 : EYSEYNIDGLPAQM QSINGTLPNLFAFDRV : 150
Seqid4 : ..... : 119

                160           *           180
Seqid2 : EVMRGPSGLFDSSGEMGGIVNLVRKRPTKA : 180
Seqid4 : ..... : 149

                *           200           *
Seqid2 : FQGHAAAGFGTHKQYKAEADVSGSLNSDGS : 210
Seqid4 : ..... : 179

```

09889267-011702

12/15

220 \* 240  
Seqid2 : VRGRVMAQTVGASPRPAEKNNRHETFYAAA : 240  
Seqid4 : ..... : 209

\* 260 \*  
Seqid2 : DWDINPDTVLGAGYLYQQRHLAPYNGLPAD : 270  
Seqid4 : ..... : 239

280 \* 300  
Seqid2 : ANNKLPSLPQHVFVGADWNKFKMNSHDVFA : 300  
Seqid4 : ..... : 269

\* 320 \*  
Seqid2 : DLKHYFGNGGYGKVGMRYSRDRDADSNYAFA : 330  
Seqid4 : ..... : 299

340 \* 360  
Seqid2 : GSKLGMKTPAGRPGCNTADDKACAVGLGTE : 360  
Seqid4 : ..... : 329

\* 380 \*  
Seqid2 : IKQKALAFDASYSRPFRLGNTANEFVIGAD : 390  
Seqid4 : ..... : 359

400 \* 420  
Seqid2 : YNRFRSTNEQGRTTLYARGGLALNEFRSIP : 420  
Seqid4 : ..... : 389

09889267-011702

13/15

	*	440	*
Seqid2	:	QVDLIANARKGVRGYSHTVATENLDEFGIY	: 450
Seqid4	:	.....	: 419
	460	*	480
Seqid2	:	GKSTFHPADGLSLIGGGRLGHYKIESGEGK	: 480
Seqid4	:	.....	: 449
	*	500	*
Seqid2	:	TLHKASKTKFTGYAGAVYDLNDNNSLYLSL	: 510
Seqid4	:	.....	: 479
	520	*	540
Seqid2	:	SQLYTPQTNLDADGKLLKPRQGNQFEVGYK	: 540
Seqid4	:	.....	: 509
	*	560	*
Seqid2	:	GSYMDDRLNARVSFYRMKDKNAAAPLNPNN	: 570
Seqid4	:	.....	: 539
	580	*	600
Seqid2	:	KKTRYAALGKRVMIEGVETEISGAVTPKWQI	: 600
Seqid4	:	.....	: 569
	*	620	*
Seqid2	:	HAGYSYLHSQIKTASNSRDDGIFLLMPKHS	: 630
Seqid4	:	.....	: 599
	640	*	660
Seqid2	:	ANLWTTYQVTPELTIGGGVNAMSGITSSAG	: 660

09889267.01.1702

14/15

Seqid4 : ..... : 629

Seqid2 : MHAGGYATFDAMAAYRFTP<sup>\*</sup>KLKLQINADNI<sup>\*</sup> : 690  
Seqid4 : ..... : 659

Seqid2 : FNRHYYARVGGANTFNI<sup>700</sup>PGSERTWTANLRY<sup>720</sup> : 720  
Seqid4 : .....L..... : 689

Seqid2 : SF : 722  
Seqid4 : .. : 691

09889267-011702

15/15

**Figure 3:** Expression of recombinant BASB053 in *E. coli* Top10 cells. SDS-PAGE electrophoresis of bacterial protein extracts corresponding to controle (lane 1, strain carrying plasmid pBADgIII) or recombinant (lane 2, pBADgIII-BASB053) *E. coli* Top10 cells.

